```
<!--StartFragment-->RESULT 1
US-08-363-208-1
; Sequence 1, Application US/08363208
; Patent No. 5767366
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Sathasivan, Kanagasabapathi
;    APPLICANT:  Murai, No. 5767366imoto
;    TITLE OF INVENTION:  A Mutant Acetolactate Synthase Gene From
;    TITLE OF INVENTION:  Arabidopsis Thaliana For Conferring Imidazolinone
;    TITLE OF INVENTION:  Resistance To Crop Plants
;    NUMBER OF SEQUENCES:  2
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Llewellyn A. Proctor, Sr.
;      STREET:  11481 Sheraton Drive
;      CITY:  Baton Rouge,
;      STATE:  LA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  70815
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.25
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/363,208
;      FILING DATE:
;      CLASSIFICATION:  800
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/657,429
;      FILING DATE:  19-FEB-1991
;      CLASSIFICATION:  800
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Proctor Sr., Llewellyn A.
;      REGISTRATION NUMBER:  20,152
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  013911-001
;      TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;        TELEPHONE:  (504)275-8689
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  2365 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
US-08-363-208-1

   Query Match         41.4%;  Score 2365;  DB 2;  Length 2365;
   Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
   Matches 2365;  Conservative   0;  Mismatches   0;  Indels   0;  Gaps   0;

Qy    2176 CTTGTATCCATTCTCTTAACCAATAAAAAAAGAAAGAAAGATCAATTTGATAAATTTCTC 2235
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 CTTGTATCCATTCTCTTAACCAATAAAAAAAGAAAGAAAGATCAATTTGATAAATTTCTC 60

Qy    2236 AGCCACAAATTCTACATTTAGGTTTTAGCATATCGAAGGCTCAATCACAAATACAATAGA 2295
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AGCCACAAATTCTACATTTAGGTTTTAGCATATCGAAGGCTCAATCACAAATACAATAGA 120

Qy    2296 TAGACTAGAGATTCCAGCGTCACGTGAGTTTTATCTATAAATAAAGGACCAAAAATCAAA 2355
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TAGACTAGAGATTCCAGCGTCACGTGAGTTTTATCTATAAATAAAGGACCAAAAATCAAA 180
```

```
Qy    2356 TCCCGAGGGCATTTTCGTAATCCAACATAAAACCCTTAAACTTCAAGTCTCATTTTTAAA 2415
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 TCCCGAGGGCATTTTCGTAATCCAACATAAAACCCTTAAACTTCAAGTCTCATTTTTAAA 240

Qy    2416 CAAATCATGTTCACAAGTCTCTTCTTCTTCTCTGTTTCTCTATCTCTTGCTCATCTTTCT 2475
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 CAAATCATGTTCACAAGTCTCTTCTTCTTCTCTGTTTCTCTATCTCTTGCTCATCTTTCT 300

Qy    2476 CCTGAACCATGGCGGCGGCAACAACAACAACAACAACATCTTCTTCGATCTCCTTCTCCA 2535
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 CCTGAACCATGGCGGCGGCAACAACAACAACAACAACATCTTCTTCGATCTCCTTCTCCA 360

Qy    2536 CCAAACCATCTCCTTCCTCCTCCAAATCACCATTACCAATCTCCAGATTCTCCCTCCCAT 2595
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 CCAAACCATCTCCTTCCTCCTCCAAATCACCATTACCAATCTCCAGATTCTCCCTCCCAT 420

Qy    2596 TCTCCCTAAACCCCAACAAATCATCCTCCTCCTCCCGCCGCCGCGGTATCAAATCCAGCT 2655
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 TCTCCCTAAACCCCAACAAATCATCCTCCTCCTCCCGCCGCCGCGGTATCAAATCCAGCT 480

Qy    2656 CTCCCTCCTCCATCTCCGCCGTGCTCAACACAACCACCAATGTCACAACCACTCCCTCTC 2715
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 CTCCCTCCTCCATCTCCGCCGTGCTCAACACAACCACCAATGTCACAACCACTCCCTCTC 540

Qy    2716 CAACCAAACCTACCAAACCCGAAACATTCATCTCCCGATTCGCTCCAGATCAACCCCGCA 2775
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 CAACCAAACCTACCAAACCCGAAACATTCATCTCCCGATTCGCTCCAGATCAACCCCGCA 600

Qy    2776 AAGGCGCTGATATCCTCGTCGAAGCTTTAGAACGTCAAGGCGTAGAAACCGTATTCGCTT 2835
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 AAGGCGCTGATATCCTCGTCGAAGCTTTAGAACGTCAAGGCGTAGAAACCGTATTCGCTT 660

Qy    2836 ACCCTGGAGGTGCATCAATGGAGATTCACCAAGCCTTAACCCGCTCTTCCTCAATCCGTA 2895
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 ACCCTGGAGGTGCATCAATGGAGATTCACCAAGCCTTAACCCGCTCTTCCTCAATCCGTA 720

Qy    2896 ACGTCCTTCCTCGTCACGAACAAGGAGGTGTATTCGCAGCAGAAGGATACGCTCGATCCT 2955
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 ACGTCCTTCCTCGTCACGAACAAGGAGGTGTATTCGCAGCAGAAGGATACGCTCGATCCT 780

Qy    2956 CAGGTAAACCAGGTATCTGTATAGCCACTTCAGGTCCCGGAGCTACAAATCTCGTTAGCG 3015
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 CAGGTAAACCAGGTATCTGTATAGCCACTTCAGGTCCCGGAGCTACAAATCTCGTTAGCG 840

Qy    3016 GATTAGCCGATGCGTTGTTAGATAGTGTTCCTCTTGTAGCAATCACAGGACAAGTCCCTC 3075
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GATTAGCCGATGCGTTGTTAGATAGTGTTCCTCTTGTAGCAATCACAGGACAAGTCCCTC 900

Qy    3076 GTCGTATGATTGGTACAGATGCGTTTCAAGAGACTCCGATTGTTGAGGTAACGCGTTCGA 3135
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GTCGTATGATTGGTACAGATGCGTTTCAAGAGACTCCGATTGTTGAGGTAACGCGTTCGA 960

Qy    3136 TTACGAAGCATAACTATCTTGTGATGGATGTTGAAGATATCCCTAGGATTATTGAGGAAG 3195
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TTACGAAGCATAACTATCTTGTGATGGATGTTGAAGATATCCCTAGGATTATTGAGGAAG 1020

Qy    3196 CTTTCTTTTTAGCTACTTCTGGTAGACCTGGACCTGTTTTGGTTGATGTTCCTAAAGATA 3255
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 CTTTCTTTTTAGCTACTTCTGGTAGACCTGGACCTGTTTTGGTTGATGTTCCTAAAGATA 1080
```

```
Qy    3256  TTCAACAACAGCTTGCGATTCCTAATTGGGAACAGGCTATGAGATTACCTGGTTATATGT  3315
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081  TTCAACAACAGCTTGCGATTCCTAATTGGGAACAGGCTATGAGATTACCTGGTTATATGT  1140

Qy    3316  CTAGGATGCCTAAACCTCCGGAAGATTCTCATTTGGAGCAGATTGTTAGGTTGATTTCTG  3375
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141  CTAGGATGCCTAAACCTCCGGAAGATTCTCATTTGGAGCAGATTGTTAGGTTGATTTCTG  1200

Qy    3376  AGTCTAAGAAGCCTGTGTTGTATGTTGGTGGTGGTTGTTTGAATTCTAGCGATGAATTGG  3435
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201  AGTCTAAGAAGCCTGTGTTGTATGTTGGTGGTGGTTGTTTGAATTCTAGCGATGAATTGG  1260

Qy    3436  GTAGGTTTGTTGAGCTTACGGGGATCCCTGTTGCGAGTACGTTGATGGGGCTGGGATCTT  3495
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261  GTAGGTTTGTTGAGCTTACGGGGATCCCTGTTGCGAGTACGTTGATGGGGCTGGGATCTT  1320

Qy    3496  ATCCTTGTGATGATGAGTTGTCGTTACATATGCTTGGAATGCATGGGACTGTGTATGCAA  3555
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321  ATCCTTGTGATGATGAGTTGTCGTTACATATGCTTGGAATGCATGGGACTGTGTATGCAA  1380

Qy    3556  ATTACGCTGTGGAGCATAGTGATTTGTTGTTGGCGTTTGGGGTAAGGTTTGATGATCGTG  3615
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381  ATTACGCTGTGGAGCATAGTGATTTGTTGTTGGCGTTTGGGGTAAGGTTTGATGATCGTG  1440

Qy    3616  TCACGGGTAAGCTTGAGGCTTTTGCTAGTAGGGCTAAGATTGTTCATATTGATATTGACT  3675
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441  TCACGGGTAAGCTTGAGGCTTTTGCTAGTAGGGCTAAGATTGTTCATATTGATATTGACT  1500

Qy    3676  CGGCTGAGATTGGGAAGAATAAGACTCCTCATGTGTCTGTGTGTGGTGATGTTAAGCTGG  3735
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501  CGGCTGAGATTGGGAAGAATAAGACTCCTCATGTGTCTGTGTGTGGTGATGTTAAGCTGG  1560

Qy    3736  CTTTGCAAGGGATGAATAAGGTTCTTGAGAACCGAGCGGAGGAGCTTAAGCTTGATTTTG  3795
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561  CTTTGCAAGGGATGAATAAGGTTCTTGAGAACCGAGCGGAGGAGCTTAAGCTTGATTTTG  1620

Qy    3796  GAGTTTGGAGGAATGAGTTGAACGTACAGAAACAGAAGTTTCCGTTGAGCTTTAAGACGT  3855
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621  GAGTTTGGAGGAATGAGTTGAACGTACAGAAACAGAAGTTTCCGTTGAGCTTTAAGACGT  1680

Qy    3856  TTGGGGAAGCTATTCCTCCACAGTATGCGATTAAGGTCCTTGATGAGTTGACTGATGGAA  3915
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681  TTGGGGAAGCTATTCCTCCACAGTATGCGATTAAGGTCCTTGATGAGTTGACTGATGGAA  1740

Qy    3916  AAGCCATAATAAGTACTGGTGTCGGGCAACATCAAATGTGGGCGGCGCAGTTCTACAATT  3975
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741  AAGCCATAATAAGTACTGGTGTCGGGCAACATCAAATGTGGGCGGCGCAGTTCTACAATT  1800

Qy    3976  ACAAGAAACCAAGGCAGTGGCTATCATCAGGAGGCCTTGGAGCTATGGGATTTGGACTTC  4035
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801  ACAAGAAACCAAGGCAGTGGCTATCATCAGGAGGCCTTGGAGCTATGGGATTTGGACTTC  1860

Qy    4036  CTGCTGCGATTGGAGCGTCTGTTGCTAACCCTGATGCGATAGTTGTGGATATTGACGGAG  4095
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861  CTGCTGCGATTGGAGCGTCTGTTGCTAACCCTGATGCGATAGTTGTGGATATTGACGGAG  1920

Qy    4096  ATGGAAGCTTTATAATGAATGTGCAAGAGCTAGCCACTATTCGTGTAGAGAATCTTCCAG  4155
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921  ATGGAAGCTTTATAATGAATGTGCAAGAGCTAGCCACTATTCGTGTAGAGAATCTTCCAG  1980

Qy    4156  TGAAGGTACTTTTATTAAACAACCAGCATCTTGGCATGGTTATGCAATGGGAAGATCGGT  4215
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981   TGAAGGTACTTTTATTAAACAACCAGCATCTTGGCATGGTTATGCAATGGGAAGATCGGT  2040

Qy     4216   TCTACAAAGCTAACCGAGCTCACACATTTCTCGGGGATCCGGCTCAGGAGGACGAGATAT  4275
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041   TCTACAAAGCTAACCGAGCTCACACATTTCTCGGGGATCCGGCTCAGGAGGACGAGATAT  2100

Qy     4276   TCCCGAACATGTTGCTGTTTGCAGCAGCTTGCGGGATTCCAGCGGCGAGGGTGACAAAGA  4335
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101   TCCCGAACATGTTGCTGTTTGCAGCAGCTTGCGGGATTCCAGCGGCGAGGGTGACAAAGA  2160

Qy     4336   AAGCAGATCTCCGAGAAGCTATTCAGACAATGCTGGATACACCAGGACCTTACCTGTTGG  4395
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161   AAGCAGATCTCCGAGAAGCTATTCAGACAATGCTGGATACACCAGGACCTTACCTGTTGG  2220

Qy     4396   ATGTGATTTGTCCGCACCAAGAACATGTGTTGCCGATGATCCCGAATGGTGGCACTTTCA  4455
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221   ATGTGATTTGTCCGCACCAAGAACATGTGTTGCCGATGATCCCGAATGGTGGCACTTTCA  2280

Qy     4456   ACGATGTCATAACGGAAGGAGATGGCCGGATTAAATACTGAGAGATGAAACCGGTGATTA  4515
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281   ACGATGTCATAACGGAAGGAGATGGCCGGATTAAATACTGAGAGATGAAACCGGTGATTA  2340

Qy     4516   TCAGAACCTTTTATGGTCTTTGTAT  4540
              |||||||||||||||||||||||||
Db     2341   TCAGAACCTTTTATGGTCTTTGTAT  2365


<!--EndFragment-->
```